

REC'D 08 DEC 2003

WIPO

PCT



#2
PCT/DE03/03179

**Prioritätsbescheinigung über die Einreichung
einer Patentanmeldung**

Aktenzeichen:

102 44 863.9

PRIORITY DOCUMENT

SUBMITTED OR TRANSMITTED IN
COMPLIANCE WITH
RULE 17.1(a) OR (b)

Anmeldetag:

23. September 2002

Anmelder/Inhaber:

Mologen Forschungs-, Entwicklungs- und Vertriebs
GmbH, Berlin/DE

Bezeichnung:

Impfstoff gegen Infektionen mit Onkoviren, wie dem
feline Leukosevirus der Katze

IPC:

C 12 N, A 61 K, A 61 P

Die angehefteten Stücke sind eine richtige und genaue Wiedergabe der ursprünglichen Unterlagen dieser Patentanmeldung.

München, den 13. Oktober 2003
Deutsches Patent- und Markenamt
Der Präsident

Im Auftrag

Faust



3

Mologen Forschungs-, Entwicklungs- und Vertriebs GmbH
Fabeckstr. 30

14195 Berlin

5

10

**Impfstoff gegen Infektionen mit Onkoviren, wie dem feline
Leukosevirus der Katze**

15 **Beschreibung**

Die Erfindung betrifft einen Impfstoff auf DNA-Basis, durch den Katzen gegen Infektionen mit dem feline Leukosevirus geschützt werden können.

Das feline Leukosevirus (FeLV) ist ein katzenspezifisches, weltweit verbreitetes Virus, das Auslöser schwerer Erkrankungen ist, und zu den Haupttodesursachen
20 der feline Population zählt. Derzeit besteht eine Infektionsrate von 12% bis 16% der Katzen sowohl in Europa als auch in den USA.

Ein Teil der Katzen kann die Infektion überwinden; es ist im Gegensatz dazu jedoch auch eine lebenslange Viruspersistenz im Organismus möglich. Latent infizierte Katzen gelten dann als Erregerreservoir.

25 Eine wirksame Therapie von FeLV-Infektionen, die zu einer Heilung führt, ist zur Zeit nicht möglich. Bestenfalls gelingt ein Zurückdrängen der Krankheit für eine gewisse Zeit. Bestimmte Chemotherapeutika sind auch bei der Katze anwendbar, die

Nebenwirkungen sind jedoch wie in der Humanmedizin hochproblematisch. Noch im Versuchsstadium befindet sich die Behandlung mit Interferonen.

Virostatika sind nicht in der Lage, das Virus zu inaktivieren und führen damit ebenfalls zu keinem Heilerfolg.

- 5 Eine wirksame Bekämpfung von FeLV-Infektionen kann nur vorbeugend durch Impfung erreicht werden.

Stand der Technik

- 10 Derzeitig erhältliche Impfstoffe gegen FeLV beruhen entweder auf inaktivierten FeLViren, auf rekombinant hergestellten Proteinen, sogenannten Subunit-Vakzinen, oder auf dem Einsatz von genetisch modifizierten Lebendvakzinen. Allerdings weisen diese Arten von Impfstoffen neben unzulänglichem Impferfolg eine Reihe weiterer Nachteile auf.

- 15 So führen Zubereitungen aus inaktivierten Viren nur bei einem Teil der geimpften Tiere zur erwünschten Immunität. Bei diesen Impfstoffen handelt es sich immer um Proteingemische, in denen hochimmunogene Antigene mit einer großen Menge anderer Proteine um die Präsentation durch das Immunsystem "konkurrieren" müssen. Zudem können nach erfolgter Impfung starke Nebenwirkungen, wie allergische Reaktionen und Autoimmun-Erkrankungen, auftreten.

- 20 Ein rekombinanter Impfstoff, der aus biotechnologisch hergestelltem Hüllprotein des FeLV besteht und mit Aluminiumhydroxid und Saponin adjuvantiert ist, ist derzeit ein häufig eingesetzter Impfstoff. Impfungen mit dieser Vakzine führen bei 80 bis 95% der Katzen zum Schutz gegen Leukose (Lutz et al., 1991, J Am Vet Med Assoc;199(10):1446-52).

- 25 Problematisch ist jedoch das Risiko des Auftretens von Fibrosarkomen an der Impfstelle. Ein weiterer Nachteil dieses Impfstoffes ist, daß die erwirkte Immunität hauptsächlich auf der Bildung virusneutralisierender Antikörper beruht. Neuere Untersuchungsergebnisse (Flynn et al., 2000, Immunology 101, 120-125) zeigen jedoch, daß zur Ausbildung einer schützenden Immunität die zelluläre Immunantwort ebenfalls von sehr großer Bedeutung ist.
- 30

Der Einsatz von Lebendvakzinen hat sich zwar hinsichtlich der erzielten Immunität als effektiv erwiesen, birgt jedoch die ständige Gefahr in sich, daß sich die

verwendeten Virusstämme durch Mutation oder Rekombination zu neuen pathogenen Virusstämmen entwickeln. Ebenso muß beachtet werden, daß bei der Anwendung von solchen Impfstoffen, die sämtliche Virusstrukturen enthalten, sich auf Grundlage des Antikörperstatus nicht mehr unterscheiden läßt, ob die Tiere infiziert oder immunisiert sind. Aus diesen beiden Gründen eignen sich diese Impfstoffe nicht für die Praxis.

Ein weiteres Beispiel für eine aus infektiösen- oder replikationsfähigen Viren bestehende Vakzine ist ein rekombinantes, FeLV-Oberflächenproteine exprimierendes Kanarienvirus. In Testinfektionen konnten 83% der Tiere vor der Infektion geschützt werden (Jarrett et al., 1993, J of Virology: 2370-2375). Allerdings weist dieser Impfstoff die Nachteile einer Lebendvakzine in bezug auf unvorhersagbare Rekombinationen auf, weiterhin ist er relativ aufwendig und damit teuer herzustellen und zu charakterisieren.

Neben solchen klassischen und modernen rekombinanten Impfstoffen gibt es die Möglichkeit der Impfung mit DNA-Expressionskonstrukten. Dabei wird nur die Information für bestimmte immunogene Teile des Erregers in Form von DNA dem Impfling verabreicht. Nach Impfung werden die FeLV-Antigene von den Zellen der geimpften Katze exprimiert, und stimulieren so eine Immunantwort gegen das Virus. Diese Möglichkeit, durch Injektion von Antigen kodierenden DNA-Expressionskonstrukten eine Immunantwort gegen dieses Antigen zu erzielen, ist zuerst von Tang und Ulmer für die Maus publiziert worden (Tang et al., 1992, Nature 365, 152-154; Ulmer et al., 1993 Science 259, 1745-1749) und seither in einer grossen Menge von Spezies gezeigt worden. Es ist anzunehmen, daß das generelle Prinzip der Impfung mit Immunogen-kodierenden Nukleinsäuren auf alle höheren Tiere übertragbar ist. Hinsichtlich der Wahl geeigneter Antigene, deren Kodierung in Nukleinsäuresequenzen sowie der Wahl des geeigneten Impfregimes stellen sich dem Fachmann für jede Anwendung eine Reihe zum Teil nur schwer überwindbarer Probleme, was dazu geführt hat, daß bisher noch keine Vakzine auf DNA-Basis in eine Erprobung in der klinischen Phase 2 oder 3 aufgenommen wurde.

Die Impfung von Katzen mit Expressionskonstrukten zur Expression der Gene "env" und "gag" ist in der französischen Patentschrift FR 2 751 223 beschrieben. Die dort skizzierte Erfindung ist allerdings nicht ausreichend offenbart, so sind keinerlei Expressions- und Immunisierungsversuche oder deren Ergebnisse gezeigt.

Offenbar handelt es sich um eine spekulative Anmeldung, der keine erfinderische Arbeit zugrunde lag.

Versuche zur DNA-Immunisierung auf dem Gebiet des FeLV, die allerdings nicht zu einem überzeugenden Erfolg führten, sind bekannt (Jarrett et al., 2000 Immunology, 101, 120-125). In der vorzitierten Arbeit war das Gesamtgenom mit einer Polymerasedelektion als Expressionskonstrukt inokuliert worden. Der klinische Erfolg der Impfung schlug sich allerdings nicht in einem Schutz der Katzen vor Infektion und Virämie nieder. Neben diesem praktischen Nachteil des zitierten Impfversuchs hat die Verwendung von Deletionsmutanten oder deren Genom zur Impfung den Nachteil, daß die Gefahr besteht, daß aus einem deletierten Virus durch Rekombination mit endogenen oder exogenen Virussequenzen infektiöse, neuartige Pathogene entstehen.

Im Gegensatz zu der zitierten Arbeit von Jarrett war das Ziel der Bemühungen der vorliegenden Erfindung, nur isolierte Antigene des FeLV zur Expression zu bringen. Vorversuche zeigten allerdings, daß durch Inokulation von Expressionskonstrukten, die homologe Wildtyp-Sequenzen des "env"- und "gag"-Gens des FeLV unter Kontrolle des Cytomegalievirus (CMV) early-immediate Promotors kodierten, keine Antikörperproduktion in Katzen provozierbar war. Weitere Versuche zeigten ebenfalls, daß die betreffenden Sequenzen in menschlichen und aus Katzen gewonnenen Zelllinien nicht oder nur in sehr geringem Maße exprimiert wurden. Dieses Phänomen ist für Sequenzen des HI-Virus sowie andere Lentiviren bekannt (Wagner et al., 2000, Hum Gene Ther 11(17), 2403-2413). Die Expression der Wildtypsequenzen in der infizierten Zelle ist dabei abhängig von der vorhergehenden Expression des viral kodierten Proteins "rev".

Die Expressionskontrolle des nicht zur Klasse der Lentiviren gehörenden Retrovirus FeLV ist unbekannt und ein der "rev"-Kontrolle ähnlicher Mechanismus nicht gezeigt oder in der Literatur postuliert worden.

Ebenfalls bekannt ist, daß durch Optimierung der Kodonbenutzung (Codon Usage Optimization) innerhalb des Expressionskonstruktes an die präferentiell in Säugern benutzten Kodons die Expression von Proteinen erheblich gesteigert werden kann (Grantham et al., Nucleic Acids Res 1980, 9:1893-912). Diese Methode wurde bereits erfolgreich zur Expressionssteigerung verschiedener viraler Strukturproteine des HIV-1 und SIV angewandt. Der Effekt beruht auf der Umgehung der "rev"-

abhängigen Transportwege für das extrem AT-reiche Transkript dieser späten Proteine im Replikationszyklus der Lentiviren. So gelang es durch Kodonoptimierung der DNA Sequenzen des „env“ und des „gag“ Proteins des menschlichen HI-Virus, weitaus höhere Antikörpertiter gegen diese synthetischen Antigene in Mäusen zu erzielen, als es durch die Wildtypsequenzen möglich war (Haas et al., 1998, J Virol. 72: 1497-503, Wagner et al., Hum Gene Ther. 2000,17:2403-13). Die Herstellung und der Gebrauch solcherart optimierter Sequenzen zur Vakzinierung gegen HIV-1 ist auch bekannt aus der WO 00/029561 und der WO 97/48370.

Ein anderes Problem besteht in der Applikation der immunogenen Antigene oder Teile davon kodierenden DNA. Ein Nachteil der im Moment zum DNA Transport (Transfektion) verwendeten Vektoren besteht darin, daß entweder Vektoren viralen Ursprungs eingesetzt werden, die vom Aspekt der Sicherheit Probleme aufwerfen (Lehrman, 1999, Nature 401: 517-518), oder aber Plasmide genutzt werden. Da Plasmide durch bakterielle Fermentation gewonnen werden, enthalten sie neben dem gewünschten Gen auch die für ihre Vervielfältigung und Selektion notwendige DNA sowie üblicherweise Resistenzgene gegen bei der Fermentation verwendete Antibiotika. Die Problematik wird in der WO 98/21322 ausführlich diskutiert. Erwähnt sei, daß bei der Verwendung von Genexpressionskonstrukten auf Basis von Plasmid-DNA das inhärente Risiko der Verbreitung von Antibiotikaresistenzgenen, welches insbesondere bei großangelegten Schutzimpfungen nicht vertretbar ist, besteht.

Eine andere Art von DNA-Vektor sind kovalent geschlossene minimalistische DNA-Konstrukte, wie sie in der EP 0 914 318 B1 offenbart werden. Insbesondere deren Anwendung in Form von peptid-gekoppelten DNA-Konstrukten führt zu einer überraschenden, qualitativ verbesserten Immunantwort im Vergleich zu unmodifizierter Plasmid-DNA (siehe auch DE 101 56 679.4 und DE 101 56 678.6).

Neben den Nachteilen, die durch die bisherigen Gentransfermethoden bedingt sind, ist es bisher nicht gelungen, einen effektiven und sicheren Impfstoff gegen FeLV zu entwickeln. Bis heute beschränkt sich die Behandlung einer FeLV-Infektion auf die Stärkung der Abwehrkräfte der Tiere und die Behandlung der Begleit- und Sekundärinfektionen. Die vorhandenen Impfstoffe bringen die eingangs genannten Nebenwirkungen mit sich.

Ausgehend von diesem Stand der Forschung ist es Aufgabe der vorliegenden Erfindung, einen Impfstoff zur Verfügung zu stellen, der zu zellulärer und humoraler Immunität gegen ausgewählte Antigene des FeLV in Katzen und einem Schutz vor Infektionen mit FeLV führt und den Sicherheitsaspekt berücksichtigt. Zusätzlich soll auf herkömmliche Adjuvantien verzichtet, und damit die Gefahr der Fibrosarkombildung an der Injektionsstelle ausgeschlossen werden können. Weiterhin war es Aufgabe der vorliegenden Erfindung, Expressionskonstrukte bereitzustellen, die zur Expression von Antigenen des FeLV in Säugerzellen in messbaren Mengen führen.

10 Lösung der Aufgabe und Vorteile der Erfindung

Erfindungsgemäß wird dieses Ziel dadurch erreicht, daß Katzen mit einem Gemisch (Cocktail) aus synthetisch hergestellten, kodon- und spleiß-Signal-optimierten DNA-Sequenzen immunisiert werden, die für Strukturproteine ("gag"), sowie das wichtigste Membranprotein ("env") des FeLV kodieren.

15 Die Gensequenz "gag" kodiert für die viralen Strukturproteine der inneren Virusverpackung, die Gensequenz "env" für die viralen Hüllproteine. Das Protein, das die höchste Immunogenität der in der "env" Sequenz kodierten Proteine besitzt, ist das Glykoprotein gp70. Gegen das gp70 werden im Katzenorganismus virusneutralisierende Antikörper gebildet. Diese Antikörper stellen die erste Immunantwort nach dem Eindringen des Erregers in den Körper dar, die unter Umständen schon ausreichend zur Überwindung der Infektion sein kann.

Ob membranständige oder sekretorische Proteine besser geeignet sind, virusneutralisierende Antikörper zu induzieren, wird kontrovers diskutiert. Aus diesem Grund wurden zwei verschiedene für "env" kodierende Konstrukte hergestellt. Da bekannt ist, daß die p15 Sequenz der "env" Gensequenz mindestens einen immunmodulatorisch wirksamen Sequenzabschnitt enthält, der die Antikörperbildung unterdrückt (Haraguchi et al., 1997, Journal of Leukocyte Biology, 61, 654-666), wurde neben einem Konstrukt kodierend für gp70 und p15 (gp85), ein weiteres hergestellt, welches nur das gp70 enthielt und damit zur Expression des sekretorischen "env" Proteins ohne Transmembranteil führt.

Eine Vakzine, die sowohl virusneutralisierende Antikörper gegen das gp70, als auch eine T-Zell-vermittelte Immunantwort induzieren kann, stellt demnach eine deutliche

Verbesserung gegenüber den bisher erhältlichen Impfstoffen dar und könnte gegebenenfalls auch zur Therapie infizierter Katzen eingesetzt werden.

Um mehr Antigen in-vivo zu exprimieren und damit eine stärkere Immunantwort auszulösen, die sich in einem wirksamen und dauerhaften Schutz vor der FeLV-Infektion zeigt, wurden die Wildtyp Sequenzen von "gag" und "env" optimiert. Unter Optimierung soll die Kodon-Anpassung, auch als "Codon-Usage-Optimization" bezeichnet, verstanden werden.

Jede Aminosäure kann durch mehrere Kodons verschlüsselt werden. Die Häufigkeit, mit der die einzelnen Kodons während der Transkription abgelesen werden, variiert sehr stark zwischen Viren, Bakterien und Vertebraten. Dementsprechend variiert auch die Häufigkeit der entsprechenden tRNAs in der Zelle. Virale Genome haben zum Teil eine von der Wirtszelle abweichende Kodon-Nutzungsfrequenz, was wahrscheinlich ein Element der Expressionskontrolle der Viren ist. Durch Adaption der Sequenz an das wirtsspezifische Kodon-Nutzungsmuster können diese viralen Steuermechanismen unterlaufen sowie die Expression von Antigen erheblich gesteigert werden.

Deshalb war das Ziel der Experimente, durch Umschreibung der viralen Sequenzen in Sequenzen, die eine für Vertebratengenome optimale Kodon-Nutzung repräsentieren, eine viel stärkere Expression der Antigene zu erreichen. Dazu wurde eine Klonierungsstrategie entwickelt, die die Synthese dieser optimierten DNA-Sequenz aus Oligonukleotiden ermöglichte.

Die synthetischen Sequenzen wurden in Plasmide inseriert, in E.coli vervielfältigt, zur Kontrolle sequenziert und anschließend in Zellen einer Katzenzelllinie transfiziert, um die Expression der kodierten Proteine zu testen.

Der Nachweis der Expression der Antigene wurde mit Hilfe von Westernblots geführt.

Der Nachweis der Expression der Proteine durch die FeLV-Wildtyp Sequenzen (WT) von "env" und "gag" erfolgte mit Hilfe des Westernblots. Durch Immunpräzipitation konnte "env" ebenso wie "gag" nur durch sehr schwache Banden nachgewiesen werden. Überraschenderweise war dies auch für die kodon-optimierten "env"-Sequenzen der Fall. Nur bei "gag" führte die Kodon-Optimierung zu einer deutlich verbesserten Expression, wie Fig. 1 belegt. Nach Überprüfung zahlreicher anderer Hypothesen, die die mangelhafte Expression der synthetischen

Gene erklären sollten, wurden die synthetische "env" Sequenz auf durch bioinformatisch vorhergesagte Spleißsignale (splice-sites) überprüft. Eine Reihe der vom verwendeten Programm vorhergesagten Spleißsignale wurde durch Punktmutation beseitigt, um die Hypothese zu verifizieren, daß das Auftreten solcher Strukturen die Expression der Gene im Zusammenhang mit dem verwendeten Promoter behindere. Es gelang überraschenderweise durch diese Maßnahme, "env" im Westernblot als starke Proteinbande nachzuweisen (s. Fig. 2). Die erfindungsgemäßen synthetischen Antigensequenzen zeigen durch die kräftigen Banden die erfolgreiche und verstärkte Expression der Antigene.

Es wird generell ein Zusammenhang zwischen der Expressionsstärke eines Expressionssystems und der resultierenden Stärke der Immunantwort vermutet, wenn auch zahlreiche Befunde nahelegen, dass weder ein linearer Zusammenhang besteht, noch zwingend jede Behandlung mit Expressionsvektoren Immunität in der gewünschten Stärke nach sich zieht (Wherry et al., Journal of Immunology 2002, 168 pp 4455-4461). Deshalb wurden nach Vorliegen der *in-vitro*-Expressionsergebnisse Mäuse mit peptid-gekoppelten Expressionskonstrukten immunisiert, die für das kodonoptimierte und spleißsignal-optimierte "env" kodierten. Die Vorteile solcher peptidgekoppelten Konstrukte bei der Herbeiführung einer Immunantwort sind in den Schriften (EP 0941 318B und DE 101 56 678A) ausführlich erläutert. Zur Klärung der immunologischen Bedeutung des p15 Proteins des "env" bei der Auslösung einer Immunantwort wurden beide erfindungsgemäße für "env" kodierende Sequenzen eingesetzt (Seq.ID 7, 8, sowie 9 und 10). Die Seren der immunisierten Mäuse wurde auf spezifische Antikörper gegen das FeL-Virusprotein "env" mittels Westernblot untersucht. Anhand der Antikörperlevel nach der Zweitimmunisierung in Woche 4 ist erkennbar, dass die synthetischen Konstrukte auch *in-vivo* zu einer starken Stimulation der Antikörperbildung führen. Im Vergleich zeigten fünf von sechs Mäuse der Gruppe 4 eine starke Immunantwort auf die erfindungsgemäße Antigensequenz, wohingegen der WT (Gruppe 1) zum Auslösen einer schwachen Antikörperantwort bei nur zwei von sechs Tieren führte (s. Fig. 3).

Als DNA-Expressionskonstrukte können Plasmide eingesetzt werden, bevorzugt werden aber erfindungsgemäß minimalistische immunologisch definierte Genexpressionskonstrukte verwendet. Dabei handelt es sich um lineare, kovalent

geschlossene Expressionskassetten, die lediglich aus dem CMV Promotor, einem Intron, der entsprechenden Gensequenz und einer Polyadenylierungssequenz bestehen. Diese kovalent geschlossenen minimalistische DNA-Konstrukte werden im folgenden als Midge Vektoren bezeichnet (MIDGE: MINIMALISTIC IMMUNOLOGICALLY DEFINED GENE EXPRESSION VECTOR); vgl. EP 0 941 318 B1. Die Midge-Konstrukte haben den Vorteil, daß mit ihnen auf Strukturen verzichtet werden kann, die für deren medizinische Wirkung nicht essentiell sind, was die Nachteile der herkömmlichen Genfähren vermeidet.

Zur Transfektion können biologische, chemische und/oder physikalische Methoden eingesetzt werden, die zum Stand der Technik gehören, beispielsweise Transfektion mittels ballistischem Transfer. In einer bevorzugten Ausführungsform der Erfindung erfolgt die Transfektion mittels intradermaler Injektion durch Spritzen oder nadelfreier Injektionsgeräte.

Weitere vorteilhafte Methoden sind die biologischen Transfektionsmethoden wie der peptidgekoppelte Gentransfer. Hierbei beispielsweise wird ein DNA-Expressionkonstrukt, das für mindestens die erfindungsgemäße "env" und mindestens die erfindungsgemäße "gag" Sequenz des FeLV kodiert, kovalent mit einem Oligopeptid verbunden, welches vorzugsweise die Kern-Lokalisierungssequenz (Nuclear Localization Signal = NLS) aus dem Simian Virus SV-40 ist.

Nach den positiven Ergebnissen im Mausexperiment wurden Katzen mit den Expressionskonstrukten immunisiert und auf ihren Antikörperstatus untersucht.

Weitere vorteilhafte Ausgestaltungsformen der Erfindung ergeben sich aus den Unteransprüchen und der Beschreibung. Die überraschende Wirkung des erfindungsgemäßen Arzneimittels (als Impfstoff zur FeLV Therapie), sowie das erfindungsmäße Verfahren wird anhand der Figuren und Ausführungsbeispiele deutlich. Dabei bedeuten:

Midge-NLS-FeLVenvgp85(-spleiß) NLS-gekoppelter Midgevektor kodierend für die
 kodon-u. spleißsignaloptimierte "env"-
 Sequenz mit p15 (gp85)

Midge-NLS-FeLVenvgp70(-spleiß) NLS-gekoppelter Midgevektor kodierend für die
 kodon-u. spleißsignal-optimierte "env"-
 Sequenz ohne p15 (gp70)

Midge-NLS-WT NLS-gekoppelter Midgevektor kodierend
 für den WT des "env"-Gens

mAK gegen gp70 monoklonaler Antikörper gegen gp70

Positivkontrolle Impfstoff Leucogen

Puffer PBS, Negativkontrolle

Das beigefügte Sequenzprotokoll gibt folgende Sequenzen wieder:

10	<u>Seq. ID</u>	<u>Sequenzname/-beschreibung</u>
	1	DNA-Sequenz des Wildtyps des "env"-Gens
	2	DNA-Sequenz des Wildtyps des "gag"-Gens
	3	Proteinsequenz des Wildtyps des "env"-Gens
	4	Proteinsequenz des Wildtyps des "gag"-Gens
15	5	DNA-Sequenz des kodon-optimierten "gag"-Gens
	6	Proteinsequenz des kodon-optimierten "gag"-Gens
	7	DNA-Sequenz des kodon -u. spleißsignal optimierten "env"-Gens (gp85)
	8	DNA-Sequenz des kodon -u. spleißsignal optimierten "env"-Gens (gp70)
	9	Proteinsequenz des kodon -u. spleißsignal optimierten "env"-Gens (gp85)
20	10	Proteinsequenz des kodon -u. spleißsignal optimierten "env"-Gens (gp70)

Es zeigt:

Fig.1: in-vitro Expressionsvergleich des WT des "gag"-Proteins und des kodon-optimierten "gag"-Proteins. Aufgetragen sind Katzenzelllysate, die zuvor mit folgenden Konstrukten transfiziert wurden:

- 25
- Spur 1 u. 2: für "gag"-WT kodierende Expressionsvektoren
 - Spur 3: für kodon-optimiertes "gag" kodierende Expressionsvektoren
 - Spur 4: nichtinfizierte Katzenzellen, Negativkontrolle
 - Spur 6: mit Virus infizierte Katzenzellen, Positivkontrolle
 - Spur 7: Boa-Proteinmarker

Die Expression durch den WT führt zu sehr schwachen Proteinbanden (1 u.2), wohingegen eine starke Expression durch die erfindungsgemäße Sequenz erreicht wird (3). Zum Vergleich dienen infizierte Katzenzellen (6).

Fig.2: in-vitro Expressionsvergleich des WT des "env"-Gens und der kodon-u. spleißsignaloptimierten "env"-Sequenz (gp85). Aufgetragen sind Katzenzelllysate, die zuvor mit folgenden Konstrukten transfiziert wurden:

- Spur 1: BoA-Proteinmarker
- Spur 2: nichtinfizierte Katzenzellen, Negativkontrolle
- Spur 3: mit Virus infizierte Katzenzellen, Positivkontrolle
- Spur 5: mit Virus infizierte Katzenzellen, Positivkontrolle
- Spur 6: nichtinfizierte Katzenzellen, Negativkontrolle
- Spur 7: weitere Negativkontrolle zum spezifischen "env"-Nachweis
- Spur 9: für kodon-u. spleißsignaloptimiertes FeLVenvgp85(-spleiß) kodierende Expressionsvektoren
- Spur 13: für kodonoptimiertes FeLVenvgp70(+spleiß) kodierende Expressionsvektoren
- Spur 15: für "env"-WT kodierende Expressionsvektoren

Der WT führt zu keiner sichtbaren Proteinbande (15). Dagegen führt die kodonoptimierte Sequenz (13) zu einer schwachen, jedoch die kodon-u. spleißsignal optimierte Sequenz des "env"-Proteins (9) zu einer starken Proteinbande.

Fig.3: in-vivo Ergebnisse nach Immunisierung von Mäusen mit für "env"-kodierenden Expressionskonstrukten. Antikörperbestimmung erfolgte in Woche 4 nach der Zweitimmunisierung. In Gruppe 3 (Immunisierung mit erfindungsgemäßer gp85-Sequenz) sind 3 von 6 Mäuseseren antikörperpositiv, in Gruppe 4 (Immunisierung mit erfindungsgemäßer gp70-Sequenz) 5 Seren stark positiv, 1 schwach positiv. Dagegen zeigen die mit dem WT immunisierten Tiere der Gruppe 5 nur in zwei Fällen sehr schwache positive Antikörpersignale. Der Versuch zeigt, dass die optimierten Sequenzen auch in-vivo zu einer deutlich verstärkten Antikörperbildung gegenüber dem WT führen und bestätigt die Ergebnisse der in-vitro Experimente.

Beispiel 1: Wildtyp (WT)-Sequenzen

Die Wildtyp-Sequenzen der ausgewählten Antigene wurden aus dem Blut infizierter Katzen gewonnen. Die DNA-Sequenz für "env" WT ist in Seq. ID 1, für "gag" WT in Seq. ID 2 wiedergegeben. Die entsprechenden Aminosäuresequenzen in Seq. ID 3 ("env") und Seq. ID 4 ("gag").

Primer für "gag" WT:

Zur Beseitigung von zwei Eco 31I Schnittstellen wurden 3 PCR mit folgenden Mutationsprimern durchgeführt:

gag-mut1-meu: AATTAAGAGCTCCACGTCTCCCCCGCTAACAGCAACTGGCG

gag-mut2-l:

AATTAAGAGCTCCAGGTCTCCGGGGCTCCGCGGGGCTGCAAGACG

gag-mut3-r:

AATTAAGAGCTCCACGTCTCCTTCCCTTTTGTGTATATCTTTTCTGC

gag-mut4-l:

AATTAAGAGCTCCAGGTCTCCGGAAACCCAGAGGAAAGGGAAGAAAG

Nach Ligation der drei erhaltenen Sequenzen wurde eine PCR mit den Primern:

Felvgag-l:

CGGATAAGGTACCATGGGCCAACTATAACTACC

Felvgag-r:

TTCTCAGAGCTCTTAGAGGAGAGTGGAGTTGGCGGGT

durchgeführt.

Primer für "env" WT:

envl : CGGATAAGGTACCATGGCCAATCCTAGTCCACC

envr : AGTTCTCAGAGCTCTTAGGCTGTTTCAAGGAGGGCTT

Beispiel 2: Kodonoptimierung

Aus der Codon Usage Database (<http://www.kazusa.or.jp/codon/>) wurde die Kodon Benutzungstabelle für Katzen herausgesucht. Für jede Aminosäure der zwei WT-Sequenzen wurde das Kodon, das am häufigsten für diese Aminosäure kodiert, verwendet. Dabei gab es folgende Einschränkungen:

Wenn eine Aminosäure mehr als 3mal nacheinander folgte, wurde ab der vierten Aminosäure das zweithäufigste Kodon verwendet. Dadurch sollte die plötzliche extreme Abnahme der tRNA vermieden werden und die Effektivität der Translation gesichert werden.

- 5 Um unkontrollierte immunstimulatorische Effekte auszuschließen, wurden Sequenzen mit einem C und einem darauf folgenden G vermieden.

Zur Vermeidung von Schnittstellen von Eco 31I, KpnI und SacI wurden alle Sequenzen der Basenfolge GAGCTC, GGTACC, GGTCTC und GAGACC durch Wahl alternativer, ebenfalls häufig benutzter, Kodons entfernt.

10 **Beispiel 3: Klonierung von FeLVenv**

- Die Oligonukleotide wurde mit einer Länge zwischen 18 und 28 Basen bestellt (TipMolbiol). Insgesamt wurden 51 Oligonukleotide durch Annealing und Ligation miteinander verbunden. Der Überhang betrug 4 Basen. Es wurde darauf geachtet, daß die Überhänge nur einmal vorkamen und nicht palindromisch waren.
- 15 einzelne Oligonukleotid wurde mit Strang und Gegenstrang hybridisiert, indem die beiden einzelnen Oligonukleotide (Strand und Gegenstrang) mit Kinasepuffer versetzt auf ca. 80°C erhitzt wurden und dann langsam auf Raumtemperatur abgekühlt wurden. Danach wurde ATP und Polynukleotidkinase (PNK) zugegeben und die Oligonukleotide wurden für eine Stunde phosphoryliert. Danach wurden im
- 20 ersten Schritt jeweils benachbarte Oligonukleotide zusammengegeben und ligiert (Oligonukleotid 1+2, Oligonukleotid 3+4). Nach 1 h Ligation wurde ein Aliquot von dem Ligationansatz der Oligonukleotide 1+2 und ein Aliquot vom Ligationsansatz 3+4 genommen und zusammengegeben. Ein Aliquot des letzten Ligationansatzes wurde genommen und eine PCR mit flankierenden Primern durchgeführt. Entstand
- 25 ein PCR mit der richtigen erwarteten Länge, wurde es mit TA-Cloning in den TOPO Vektor pCR 2.1 zwischenkloniert und die Sequenz kontrolliert. Dies erfolgte analog für die anderen Fragmente des kompletten Gens. 4 Fragmente wurden erhalten. Die einzelnen Fragmente wurden aus dem zwischenklonierten Plasmid mit Eco RI ausgeschnitten und dann nach Verdau mit Eco 31I mit Ligase ligiert. Das gesamte
- 30 Ligationsprodukt richtiger Länge wurde mit Bam HI und Sac I verdaut und in den ebenso geschnittenen Vektor nach Gelextraktion in pMCV1.4 kloniert. Anschließend wurde die Sequenz durch Sequenzierung kontrolliert. Das entstandene Plasmid wurde pMCV1.4-FeLVenv genannt.

Primer für die 4 zusammengesetzten Fragmente:

Fragment 1:

linker Primer: ATATTGGATCCCATGGCCAACCCCTCCC

rechter Primer: ATTATGGTCTCCTGCTGCTTCTTCCTGTCTGTGG

5 **Fragment 2:**

linker Primer: TAATAGGTCTCCAGCAGCAGACCTACCCCT

rechter Primer: TAATAGGTCTCTGTGAACAGGGCAATGGGGTCA

Fragment 3:

linker Primer: TATTTGGTCTCTTCACAGTGTCCAGGCAGGTGTC

10 rechter Primer: TATTAGGTCTCAGCTTGTGCTGGGGGGTGG

Fragment 4:

linker Primer: AATAAGGTCTCCAAGCTGACCATCTCTGAGGTGT

rechter Primer: ATTAAGAGCTCTCAGGCTGTTTCCAGC

gesamte Sequenz:

15 linker Primer: ATATTGGATCCCATGGCCAACCCCTCCC

rechter Primer: ATTAAGAGCTCTCAGGCTGTTTCCAGC

Beispiel 4: Klonierungsstrategie für LeadFeLVenv

20 Zur erfolgreichen Prozessierung des "env" Proteins wurde eine Signalsequenz (Leader Sequenz) vor die kodonoptimierte "env" Sequenz kloniert. Diese Signalsequenz wurde aus insgesamt 8 ODN, mit einer Länge zwischen 22-30 bp, durch Annealing und Ligation hergestellt. Aus dem letzten Ligationsschritt wurde eine PCR zur Amplifizierung der Leadersequenz durchgeführt.

Primer für die gesamte Signalsequenz:

linker Primer: ATTGCCGGTACCATGGAGTCCCCCACCACC

25 rechter Primer: ATCAGAGGTCTCCCATGCCAATGTCAATGGTGAAC

Am 3'-Ende des PCR-Produktes wurde eine Eco31I Erkennungssequenz generiert, die nach Verdau einen Überhang erzeugt, der revers komplementär zu dem am 5'-Ende nach gleichem Verdau erzeugten Überhang des folgenden PCR-Produktes ist.

PCR für FeLVenv:

Dabei wurde am 5'-Ende der Sequenz eine Eco31I Erkennungssequenz generiert.

Verwendete Primer:

linker Primer: GATCTGGGTCTCCATGGCCAACCCCTC

5 rechter Primer: ATTAAGAGCTCTCAGGCTGTTTCCAGC

Nach Verdau der beiden PCR-Produkte mit Eco31I wurden diese gereinigt und miteinander ligiert. Das Ligationsprodukt wurde in eine PCR eingesetzt, bei der eine Erkennungssequenz für KpnI am 5'-Ende sowie eine für SacI am 3'-Ende generiert wurden.

10 Verwendete Primer:

linker Primer: ATTGCCGGTACCATGGAGTCCCCACCCACC

rechter Primer: ATTAAGAGCTCTCAGGCTGTTTCCAGC

Das PCR-Produkt wurde mit KpnI und SacI verdaut und in den ebenso geschnittenen Vektor pMCV1.4 kloniert. Das entstandende Plasmid wurde

15 pMCV1.4-LeadFeLVenv genannt.

Beispiel 5: Klonierungsstrategie für LeadFeLVenvgp85

Es wurde das gesamte "env" Polyprotein bestehend aus gp70 und p15 kloniert. Dazu wurde mittels PCR aus dem Plasmid pMCV1.4-FeLVenvp15 die p15 WT Sequenz amplifiziert und hinter die Sequenz des o.a. pMCV1.4-LeadFeLVenv

20 kloniert.

Bei der Amplifizierung des p15 wurde am 5'-Ende eine Eco31I Erkennungssequenz generiert.

1. PCR:**Verwendete Primer:**

25 linker Primer: AATTATGGTCTCGCAGTTCAGACAACTACAAATGGC

rechter Primer: AATTATGAGCTCTCAGGGCCTGTCAGGGTC

2. PCR:

Die Sequenz von LeadFeLVenv wurde amplifiziert. Dabei wurde am 3'-Ende eine Eco31I Erkennungssequenz generiert.

Verwendete Primer:

5 linker Primer: AATTATGGTACCATGGAGTCCCCCACCC

rechter Primer: TATAATGGTCTCAACTGGGCTGTTTCCAGCAGGGC

Nach Verdau der beiden PCR-Produkte mit Eco31I wurden diese miteinander ligiert. Das Ligationsprodukt wurde in eine PCR mit folgenden Primern eingesetzt:

linker Primer: AATTATGGTACCATGGAGTCCCCCACCC

10 rechter Primer: AATTATGAGCTCTCAGGGCCTGTCAGGGTC

Dabei wurde am 5'-Ende eine KpnI Erkennungssequenz, am 3'-Ende eine SacI Erkennungssequenz generiert. Nach Verdau des PCR-Produktes mit KpnI und SacI wurde dieses in den ebenso geschnittenen pMCV1.4 ligiert und kloniert. Das entstandene Plasmid wurde pMCV1.4—LeadFeLVenvgp85 genannt.

15 Beispiel 6: Spleiß-Signal Optimierung des LeadFeLVenvgp85 (-spleiß):

Die DNA-Sequenz des LeadFeLVenv wurde unter http://www.fruitfly.org/seq_tools/splice.html auf mögliche Spleiß-Signalsequenzen (splice-sites) überprüft. Zwischen den Basen 100 und 140 wurde eine splice-site mit einer 97% Wahrscheinlichkeit erkannt. Nach Austausch der Base 119 (von A nach G = AS-Austausch von Gln nach Arg) wurde keine potentielle splice-site mehr erkannt (untere Grenze = 40% Wahrscheinlichkeit). Die Erzeugung und Klonierung der mutierten Sequenz wurden folgendermaßen durchgeführt:

PCR zur Erzeugung der mutierten Sequenz:

25 Zunächst wurde mittels PCR ein Fragment (1), bestehend aus den Basen 1 – 123 des LeadsynFeLVenv amplifiziert. Der verwendete vorwärts-Primer generiert am 5'-Ende des PCR-Produktes die Erkennungssequenz des Restriktionsenzym KpnI.

Die Sequenz des rückwärts-Primer wurde so gewählt, daß das PCR-Produkt die Mutation (Base 119=G) aufweist. Zusätzlich generiert die PCR die Erkennungssequenz des Restriktionsenzym Eco31I-Site am 3'-Ende des PCR-

Produktes. Grundsätzlich erzeugt Eco31I einen 4 Basen 5'-Überhang der Basen 2-5 downstream der Erkennungssequenz.

Der 4 Basen 5'-Überhang, der nach Verdau des PCR-Produktes mit Eco31I am 3'-Ende des Fragment 1 entsteht, entspricht den Basen 120 – 123 der Sequenz des LeadFeLVenv. Diese Sequenz wiederum entspricht dem Überhang, der auch entsteht, wenn LeadFeLVenv mit dem Restriktionsenzym BgLI geschnitten wird, da die Basen 119. – 124 des LeadFeLVenv die Erkennungssequenz von BgLI darstellen.

Aus dem Konstrukt pMCV1.4-LeadFeLVenv wird somit zunächst mittels KpnI und BgLI die Basen 1 –123 ausgeschnitten.

Nach Verdau des PCR-Produktes Fragment 1 (mit Mutation der Base 119 = G) mit KpnI und Eco31I kann dieses in den mit KpnI und BgLI geschnittenen und gereinigten pMCV1.4-LeadFeLVenv ligiert und kloniert werden. Das entstandene Plasmid wurde pMCV1.4-FeLVenvgp70 (-spleiß) genannt.

verwendete Primer:

linker Primer: 5'-ATTGCCGGTACCATGGAGTCCCCACCCACC

rechter Primer: 5'-ATATTAGGTCTCAGATCCGGGGGGGGGAGGG

Analog dazu wurde das PCR-Produkt Fragment 1 in den mit KpnI und BgLI geschnittenen und gereinigten pMCV1.4-LeadFeLVenvgp85(-spleiß) ligiert und kloniert. Das entstandene Plasmid wurde pMCV1.4-FeLVenvgp85(-spleiß) genannt.

Beispiel 7 Klonierungsstrategie für FeLVgag:

Die Klonierung von FeLVgag erfolgte entsprechend der unter 3 beschriebenen Vorgehensweise. Die Sequenz wurde über Oligonukleotide, die zunächst zu drei einzelnen Fragmenten annealt und ligiert wurden, hergestellt. Die Sequenz wurde aus insgesamt 2 x 31 Oligonukleotiden (Vorwärts- und Rückwärtsstrang) zusammengesetzt. Die Fragmente wurden als Template in eine PCR eingesetzt und mit folgenden Primern amplifiziert:

Fragment 1:

linker Primer: ATATTGGTCTCAGGAGAGGGACAAGAAGAG

rechter Primer: AATATGGTCTCTCAGCCTGCTGGCGATGGGGC

Fragment 2:

linker Primer: ATTATGGTCTCTGCACCTGAGGCTGTACAGGC

rechter Primer: AATATGGTCTCGGTGCTCCCTGCCGGCGGGGGTGCA

Fragment 3:

5 linker Primer: ATTATGGTCTCTGCACCTGAGGCTGTACAGGC

rechter Primer: AATATGGTCTCTCTCCTCCTGCCTCTGC

Primer für das gesamte Fragment:

linker Primer: ATATTGGTCTCAGGAGAGGGACAAGAAGAG

rechter Primer: AATATGGTCTCTCTCCTCCTGCCTCTGC

- 10 Fragment 1, 2 und 3 wurden in den TOPO-Vektor pCR 2.1. zwischenklontiert; anschließend mit Eco 31I verdaut und extrahiert. Das Ligationsprodukt aus 1, 2 und 3 wurde mit KpnI und SacI verdaut und in pMCV 1.4 kloniert. Das entstandene Plasmid wurde pCMV1.4-FeLVgag genannt.

Beispiel 7 Transfektion der Zellen, Expressionsnachweis:

- 15 Feline Zellen der f3201 Zelllinie wurden mit den Plasmiden, pMCV1.4-FeLVenvgp85(-spleiß), pMCV1.4-FeLVenvgp70(-spleiß), FeLVgag und den WT enthaltenen Plasmiden pMOK für "env" und "gag" mittels Elektroporation bei 250 V und 1050µF transfiziert.

- 20 Der Nachweis der exprimierten Proteine wurde mit der Western Blot Methode geführt. Für den Nachweis dienten monoklonale Mausantikörper. Positiv-Kontrolle: mit FeLV A infizierte Zellen der f3201. Zelllinie.

Beispiel 8 Herstellung von peptidgekoppelten Midge:

- Die Plasmide pMCV1.4-FeLVenvgp85(-spleiß), pMCV1.4-FeLVenvgp70(-spleiß) und pMCV1.4-FeLVgag wurden mit dem Restriktionsenzym Eco31I über Nacht bei 25 37°C vollständig verdaut. Durch den Restriktionsverdau wurden zwei DNA-Fragmente erzeugt. Das eine bestand aus dem Kanamycin-Resistenzgen, sowie anderen zu Propagierung des Plasmides in Bakterien notwendigen Sequenzen. Das andere Fragment bestand aus den Sequenzen die Bestandteil der Midge-DNA werden sollten: enhanced CMV-Promotor, chimäres Intron, der entsprechenden 30 Gensequenz und der Polyadenylierungssequenz aus SV 40. Mittels des Enzymes

T4-DNA-Ligase wurden die 5' phosphorylierten haarnadelförmigen Oligodesoxynukleotide (TIB Mol Biol, Berlin) 5' -PH- GGGAGTCCAGT xT TTCTGGAC -3' und 5' PH- AGG GGT CCA GTT TTC TGG AC-3' in Anwesenheit des Restriktionsenzymes Eco31 I über Nacht bei 37°C an das die Midge-DNA bildende DNA Fragment ligiert. Die Reaktion wurde durch Erhitzen auf 70 °C gestoppt. Das resultierende Gemisch an Nukleinsäuren wurde mit dem Enzym T7-DNA-Polymerase behandelt. Die Midge-DNA wurde durch Anionenaustauschchromatographie aufgereinigt und mit Isopropanol gefällt (vgl. EP 0 941 318 B1)

10 Herstellung der peptid-gekoppelten ODN:

das NLS-Peptid PKKKRKV wurde in zwei Schritten an die ODN gekoppelt. Zuerst wurde das modifizierte Oligonukleotid 5'-PH-d(GGGAGTCCAGT xT TTCTGGAC, wobei xT aminomodifizierte Thyminbase mit C₂ - Aminolinker bezeichnet) (0,1mM) mit sulfo-KMUS (5mM) in PBS bei Raumtemperatur (RT) aktiviert. Nach 120 min. wurde die Reaktion mit 50 mM Tris-(Hydroxymethyl)-Aminomethane gestoppt und das aktivierte ODN nach Ethanolpräzipitation (300mM NaOAc pH 5,2, 5,5 mM MgCl₂, 70 % Ethanol), Zentrifugation und einmaligem Waschen mit 70% Ethanol erhalten. Das so erhaltene ODN (0,1mM) wurde in PBS gelöst und reagierte mit dem Peptid (0,2mM) für eine Stunde bei Raumtemperatur. Die Reaktion wurde durch Gelelektrophorese (3%) und Ethidiumbromidfärbung überprüft. Das entstandene NLS-gekoppelte ODN wurde durch HPLC aufgereinigt und zur Synthese der Midge-NLS Konstrukte wie zuvor beschrieben eingesetzt.

Beispiel 9: Antikörpertest in Mäusen:

Es wurden fünf Impfgruppen zu je sechs BALB/c Mäusen gebildet. Grundantigen in allen Gruppen (mit Ausnahme der Kontrollgruppen) waren die optimierten Sequenzen des "env" Proteins mit und ohne immunomodulierendem Protein p15. Die kodierende Sequenz und der Zytomegalo-Virus Promotor (CMV), der der Sequenz vorangestellt ist, werden als lineare Doppelstrangmoleküle entsprechend Bsp.8 verwendet. Als Kontrollen dienten PBS Puffer, herkömmlicher Impfstoff (Leucogen) und der WT des "env" Proteins. Nach der Erstimmunisierung (50 µg DNA, 1mg/ml, i.d.) erfolgte eine Zweitimmunisierung (Boost) am 15. Tag. Blutentnahmen erfolgten am 14., 28. Und 42. Tag. Die Blutproben wurden auf spezifische Antikörper gegen "env" getestet.

Gr.	Mäuse	Verwendetes Antigen	Fragestellung
1	6	Leucogen	Positivkontrolle
2	6	PBS-Puffer	Negativkontrolle
3	6	FeLVenvgp85(-spleiß)	Antikörper bestimmen
4	6	FeLVenvgp70(-spleiß)	Antikörper bestimmen
5	6	WT "env"	Positivkontrolle

Beispiel 10: Immunisierung von Katzen

5 Zum Testen, ob die synthetischen Sequenzen in der Lage sind, in Katzen eine humorale und zelluläre Immunantwort hervorzurufen, wurde folgendes Impfbregime formuliert:

Tabelle 1: Zusammensetzung der Impfbregimen

Gr.	Katzen	Verwendetes Antigen	Fragestellung
1	5	FeLVenvgp85(-spleiß) FeLVgag	Antikörper-u. Zytokinstatus bestimmen
2	5	FeLVenvgp70(-spleiß) FeLVgag	Antikörper-u. Zytokinstatus bestimmen, Vergleich zu Gruppe 1
3	2	PBS Puffer	Negativkontrolle
4	3	Leucogen	Positivkontrolle

Die Katzen der ersten beiden Gruppen werden zweimal mit einer Gesamtmenge von jeweils 600µg DNA gelöst in PBS Puffer immunisiert. Die peptidgekoppelten Expressionskonstrukte werden per intradermalen Injektion in den Nacken verabreicht. Die Immunantwort wird über die Dauer von 12 Wochen verfolgt. Die Zweitimmunisierung erfolgt in Woche 4. Durch Bestimmung des Zytokinstatus aus den wöchentlich genommenen Blutproben, sollen Aussagen über die Richtung der Immunantwort (Th1, Th2) getroffen werden. Dabei wurde IL-4 als Indikator einer TH2; IL-2 und Interferon-gamma als Indikator einer vorwiegend TH1 gerichteten

Immunantwort (Th1, Th2) getroffen werden. Dabei wurde IL-4 als Indikator einer TH2; IL-2 und Interferon-gamma als Indikator einer vorwiegend TH1 gerichteten Immunantwort bestimmt. Der Impfstoff Leucogen enthält rekombinantes "env" Protein und wird als Positivkontrolle eingesetzt.

- 5 Antikörper gegen die eingesetzten Antigene wurden mittels Westernblot und ELISA-Verfahren bestimmt.

Die Menge der mRNA der Zytokine IL-2, IL-4 sowie Interferon-gamma wurde mittels real-time PCR Verfahren bestimmt.

Patentansprüche

- 5 1. DNA-Expressionskonstrukt zur Expression von Genprodukten des Felinen Leukosevirus (FeLV) in Katzenzellen, bestehend aus einer in Feliden operablen Promotorsequenz und mindestens einer ein Strukturprotein und/oder ein Membranprotein des FeLV kodierenden Nukleotidsequenz, wobei die kodierende Sequenz des FeLV kodonoptimiert ist und keine offenen oder versteckten Splice-Donor und/oder Akzeptorsequenzen aufweist.
- 10 2. DNA-Expressionskonstrukt nach Anspruch 1, wobei das Expressionskonstrukt die für das gag-Strukturprotein kodierende kodonoptimierte Nukleotidsequenz enthält (Seq.ID 5).
3. DNA-Expressionskonstrukt nach Anspruch 1, wobei das Expressionskonstrukt die für das env-gp70-Membranprotein kodierende kodon- u. spleißsignal optimierte Nukleotidsequenz enthält (Seq.ID 8).
- 15 4. DNA-Expressionskonstrukt nach Anspruch 1, wobei das Expressionskonstrukt die für das env-gp70-Membranprotein kodierende kodon- u. spleißsignal optimierte Nukleotidsequenz enthält, die um die für das immunogene Protein p15 kodierende Nukleotidsequenz verlängert ist (Seq.ID 7).
- 20 5. DNA-Expressionskonstrukt nach einem oder mehreren der vorhergehenden Ansprüche, wobei die Struktur- und/oder Membranproteine ganz oder teilweise durch die entsprechenden Nukleotidsequenzen kodiert werden.
6. DNA-Expressionskonstrukt nach wenigstens einem der Ansprüche 1 bis 5, wobei das Expressionskonstrukt ein Plasmid ist.
- 25 7. DNA-Expressionskonstrukt nach wenigstens einem der Ansprüche 1 bis 5, wobei die immunisierenden Polynukleotidsequenzen als Expressionskonstrukte vorliegen, die aus kovalent geschlossenen linearen Desoxyribonukleinsäuremolekülen bestehen, welche einen linearen Doppelstrangbereich

aufweisen und wobei die doppelstrangbildenden Einzelstränge durch kurze einzelsträngige Schleifen aus Desoxyribonukleinsäurenukleotiden verknüpft sind, und wobei die doppelstrangbildenden Einzelstränge nur aus der kodierenden Sequenz unter Kontrolle eines im zu impfenden Tier operablen Promotors und einer Terminatorsequenz besteht.

5

8. DNA-Expressionskonstrukt nach wenigstens einem der vorhergehenden Ansprüche, wobei das Expressionskonstrukt mit einem oder mehreren Peptiden kovalent verknüpft ist.

9. DNA-Expressionskonstrukt nach Anspruch 8, wobei das Peptid aus 3 bis 30 Aminosäuren besteht, von denen mindestens die Hälfte basische Aminosäuren aus der Gruppe Arginin und Lysin kommen.

10

10. DNA-Expressionskonstrukt nach Anspruch 9, wobei das Peptid die Aminosäuresequenz PKKKRKV (Polin-Lysin-Lysin-Lysin-Arginin-Lysin-Valin) aufweist.

15

11. Arzneimittel, insbesondere eine Vakzine, zur Erzeugung einer präventiven und/oder therapeutischen Immunität bei Feliden, insbesondere der Katze, enthaltend das DNA-Expressionskonstrukt nach den Ansprüchen 1 bis 10.

Séq.ID: 1

DNA-Sequenz des WT „env“

ATGGCCAATCCTAGTCCACCCCAAATATATAATGTAACCTGGGTAATAACCAATGTACAA
ACTAACACCCAAGCTAACGCCACCTCTATGTTAGGAACCTTAACCGATGCCTACCCTACC
CTACATGTTGACTTATGTGACCTAGTGGGAGACACCTGGGAACCTATAGTCCTAAACCCA
ACCAATGTAAAACACGGGGCACGTTACTCCTCCTCAAAATATGGATGTAAAACCTACAGAT
AGAAAAAACAGCAACAGACATACCCCTTTTACGTCTGCCCGGACATGCCCCCTCGTTG
GGGCCAAAGGGAACACATTGTGGAGGGGGCACAAGATGGGTTTTGTGCCGCATGGGGATGT
GAGACCACCGGAGAAGCTTGGTGGGAAGCCCACCTCCTCATGGGACTATATCACAGTAAAA
AGAGGGAGTAGTCAGGACAATAGCTGTGAGGGAAAATGCAACCCCTGGTTTTGCAGTTC
ACCCAGAAGGGAAGACAAGCCTCTTGGGACGGACCTAAGATGTGGGGATTGCGACTATAC
CGTACAGGATATGACCCTATCGCTTTATTACGGGTGTCCCGGCAGGTATCAACCATTACG
CCGCCTCAGGCAATGGGACCAAACCTAGTCTTACCTGATCAAAAACCCCCATCCCGACAA
TCTCAAACAGGGTCCAAAGTGGCGACCCAGAGGCCCAAACGAATGAAAGCGCCCCAAGG
TCTGTTGCCCCCACCACCATGGGTCCCAAACGGATTGGGACCGGAGATAGGTTAATAAAT
TTAGTACAAGGGACATACCTAGCCTTAAATGCCACCGACCCCAACAAAACCTAAAGACTGT
TGGCTCTGCCTGTTTTCTCGACCACCTATTACGAAGGGATTGCAATCTTAGGTAACCTAC
AGCAACCAAACAAACCCCCCCCCATCCTGCCTATCTACTCCGCAACACAAAACCTAACTATA
TCTGAAGTATCAGGGCAAGGAATGTGCATAGGGACTGTTCTAAAACCCACCAGGCTTTG
TGCAATAAGACACAACAGGGACATACAGGGGGCGCACTATCTAGCCGCCCCCAACGGCACC
TATTGGGCCTGTAACACTGGACTCACCCCATGCATTTCCATGGCGGTGCTCAATTGGACC
TCTGATTTTTGTGTCTTAATCGAATTATGGCCCAGAGTGACTTACCATCAACCCGAATAT
GTGTACACACATTTTGCCAAAGCTGTCAGGTTCCGAAGAGAACCAATATCACTAACGGTT
GCCCTTATGTTGGGAGGACTTACTGTAGGGGGCATAGCGCGGGGGTCCGGAACAGGGACT
AAAGCCCTCCTTGAAACAGCCTAA

Seq.ID: 2

DNA-Sequenz des WT „gag“

ATGGGCCAAACTATAACTACCCCTTGAGCCTCACCTCAACCACTGGTCTGAGGTTGAG
GCACGGGCCCCGTAATCAGGGTGTGCAAGTCCGGAAAAAGAAATGGATTACACTGTGTGAA
GCCGAATGGGTAATGATGAATGTAGGTTGGCCCCGAGAAGGAACTTTCACCATTGACAAT
ATTTACAGGTGAGGAGAGAATCTTCGCCCCGGGGCCATATGGACACCCAGATCAAATC
CCTTATATTACCAGTGGAGATCCCTAGCCACAGACCCCCCTCCATGGGTTTCGCCATTTC
CTACCCCTCCTAAGCATCCCAGGACAGATCCTCCCGAGCCTCTTTCGCCGCAACCTCTT
GCGCCGCAACCTCTTCCCCCACCCTGCTCTACCCCGTTCTCCCAAACCAGACCCC
CCCAAGGCGCCTGTATTACCACCAATCCTTCTTCCCTTTAATTGATCTCTTAACAGAA
GAGCCACCTCCCTATCCTGGGGGTACGGGGCAACACCCGCGTCAGGCCCTAGAACCCCA
ACTGCCTCCCCGATTGCCATCCGGCTGCGAGAACGACGAGAAAATCCAGCTGAGAAATCT
CAAGCCCTCCCTTAAGGGAAGACCCAAACAACAGACCCCACTACTGGCCATTCTCGGCC
TCTGACCTGTACAATTGGAAATTGCATAACCCCTTTCTCCAGGACCCAGTGGCCCTA
ACTAACCTAATTGAGTCCATTTTAGTGACACATCAGCCAACCTGGGACGACTGCCAACAG
CTCTTACAGGCTCTCCTGACGGCAGAGGAGAGACAAAGGGTCTCCTTGAAGCCCGAAAG
CAAGTTCCAGGCGAGGACGGACGGCCAACCCAGCTGCCCAATGTCGTTGACGAGGCTTTC
CCCTTGACCCGTCCCAACTGGGATTTTTGTACGCCGGCAGGTAGGGAGCACCTACGCCTT
TATCGCCAGTTGCTGTTAGCGGGGCTCCGCGGGGCTGCAAGACGCCCACTAATTTGGCA
CAGGTAAAGCAAGTTGTACAAGGGAAGAGGAAACGCCAGCCTCATTCTTAGAAAGATTA
AAAGAGGCTTACAGAATGTATACTCCCTATGACCCTGAGGACCCAGGGCAGGCTGCTAGT
GTTATCCTGTCCTTTATCTACCAGTCTAGCCCGGACATAAGAAATAAGTTACAAAGGCTA
GAAGGCCTACAGGGGTTTCACTGTCTGATTTGCTAAAAGAGGCAGAAAAGATATACAAC
AAAAGGGAAACCCAGAGGAAAGGGAAGAAAGATTATGGCAGCGGCAGGAAGAAAGAGAT
AAAAAGCGCCATAAGGAGATGACTAAAGTTCTGGCCACAGTAGTTGCTCAGAATAGAGAT
AAGGATAGAGGGGAAAGTAACTGGGAGATCAAAGGAAAATACCTCTGGGGAAAGACCAG
TGTGCCTATTGCAAGGAAAAGGGACATTGGGTTTCGCGATTGCCCGAAACGACCCCGGAAG
AAACCCGCCAACTCCACTCTCCTCTAA

Seq. ID: 3

Proteinsequenz des WT „env“

MANPSPPIYNVTWVITNVQNTNTQANATSMGLTLTDAYPTLHVDLCDLVGDTWEPIVLNP
 TNVKHGARYSSSKYGCKTTDRKKQQQTYPFYVCPGHAPSLGPKGTHCGGAQDGFCAAWGC
 ETTGEAWWKPTSSWDYITVKRGSSQDNSCEGKCNPLVLQFTQKGRQASWDGPKMWGLRLY
 RTGYDPIALFTVSRQVSTITPPQAMGPNLVLPDQKPPSRQSQTGSKVATQRPQTNESAPR
 SVAPTMMGPKRIGTGDRLINLVQGTYLALNATDPNKTDCWLCLVSRPPYYEGAILGNY
 SNQTNPPPSCLSTPQHKLTISEVSGQGMCI GTVPKTHQALCNKTQGGHTGAHYLAAPNGT
 YWACNTGLTPCISMAVLNWTSDFCVLIELWPRVTYHQPEYVYTHFAKAVRFRREPISLTV
 ALMLGGLTVGGIAAGVGTGKALLET

Seq. ID: 4

Proteinsequenz des WT „gag“

MGQTITTPLSLTLNHWSEVQARARNQGVEVRKKKWITLCEAEWVMMNVGWPREGTFTIDN
ISQVEERIFAPGPYGHDPQIPYITTWRSLATDPPPWVRPFLPPPKHPRTDPPEPLSPQPL
APQPSSPHVLYPVLPKPDPPKAPVLPPNPSSPLIDLLTEEPYPYGGHGPPTPPSGPRT
TASPIAIRLRERRENPAEKSQALPLREDPNRNPQYWPFASDLYNWKLNPPFSQDPVAL
TNLIESILVTHQPTWDDCQQLLQALLTAERQRVLLARKQVPGEDGRPTQLPNVVDEAF
PLTRPNWDFCTPAGREHLRLYRQLLLAGLRGAARRPTNLAQVKQVVQGKEETPASFLERL
KEAYRMYTPYDPEDPGQAASVLSFIYQSSPDIRNKLQRLEGLQGFTLSDLLKEAEKIYN
KRETPEEREERLWQRQEERDKKRHKEMTKVLATVVAQNRDKDRGESKLGDKRKIPLGKDQ
CAYCKEKGHWVRDCPKRPRKKPANSTLL

Seq ID: 5 DNA-Sequenz des FeLVgag

ATGGGCCAGACCATCACCACCCCCCTGAGCCTGACCCTGAACCACTGGAGCGAGGTGCAG
GCCAGGGCCAGGAACCAGGGCGTGGAGGTGAGGAAGAAGAAGTGGATCACCTGTGCGAG
GCCGAGTGGGTGATGATGAACGTGGGCTGGCCAGGGAGGGCACCTTCACCATCGACAAC
ATCAGCCAGGTGGAGGAGAGGATCTTCGCCCCCGGCCCTACGGCCACCCCGACCAGATC
CCCTACATCACCACTGGAGGAGCCTGGCCACCGACCCCCCCCCCTGGGTGAGGCCCTC
CTGCCCCCCCCCAAGCACCCAGGACCGACCCCGAGCCCTGAGCCCCAGCCCCCTG
GCCCCCAGCCCCAGCGCCCCCCCCCATCAGCAGCCTGTACCCCGTGCTGCCCAAGCCCGAC
CCCCCAAGGCCCGTGCTGCCCCCCAACCCAGCAGCCCCCTGATCGACCTGCTGACC
GAGGAGCCCCCCCCCTACCCCGGCGGCCACGGCCCCACCCCCCAGCGGCCCCAGGACC
CCCACCGCCAGCCCCATCGCCAGCAGGCTGAGGGAGAGGAGGGAGAAACCCCGCCGAGAAG
AGCCAGGCCCTGCCCCTGAGGGAGGACCCCAACAACAGGCCCCAGTACTGGCCCTTCAGC
GCCAGCGACCTGTACAACCTGGAAGCTGCACAACCCCCCCCTTCAGCCAGGACCCCGTGGCC
CTGACCAACCTGATCGAGAGCATCCTGGTGACCCACCAGCCACCTGGGACGACTGCCAG
CAGCTGCTGCAGGCCCTGCTGACCGCCGAGGAGAGGCAGAGGGTGCTGCTGGAGGCCAGG
AAGCAGGTGCCCGGCGAGGACGGCAGGCCACCCAGCTGCCAACGTGGTGGACGAGGCC
TTCCCCCTGACCAGGCCCAACTGGGACTTCTGCACCCCGCCGGCAGGGAGCACCTGAGG
CTGTACAGGCAGCTGCTGCTGGCCGGCCTGAGGGGCGCCGCCAGGAGGCCACCAACCTG
GCCCAGGTGAAGCAGGTGGTGCAGGGCAAGGAGGAGACACCCGCCAGCTTCCTGGAGAGG
CTGAAGGAGGCCTACAGGATGTACACCCCTACGACCCCGAGGACCCCGGCCAGGCCACC
AGCGTGATCCTGAGCTTCATCTACCAGAGCAGCCCCGACATCAGGAACAAGCTGCAGAGG
CTGGAGGGCCTGCAGGGCTTCACCCTGAGCGACCTGCTGAAGGAGGCCGAGAAGATCTAC
AACAAGAGGGAGACACCCGAGGAGAGGGAGGAGAGGCTGTGGCAGAGGCAGGAGGAGAGG
GACAAGAAGAGGCACAAGGAGATGACCAAGGTGCTGGCCACCGTGGTGGCCCAGAACAGG
GACAAGGACAGGGGCGAGAGCAAGCTGGGCGACCAGAGGAAGATCCCCCTGGGCAAGGAC
CAGTGCGCCTACTGCAAGGAGAAGGGCCACTGGGTGAGGGACTGCCCAAGAGGCCCAGG
AAGAAGCCCGCCAACAGCACCTGCTGTAG

Seq. ID: 6 Proteinsequenz FeLVgag

MGQTITTPLSLTLNHWSEVQARARNQGVEVRKKKWITLCEAEWVM MNVGWPREGTFTIDN
ISQVEERIFAPGPYGHDPQIPYITTWRSLATDPPPWVRPFLPPPKHPRTDPPEPLSPQPL
APQPSAPPISSLYPVLPKDPKAPVLPPNPSSPLIDLLTEPPPPYPGGHGTPPSGPR
PTASPIASRLRERRENPAEKSQALPLREDPNRRPQYWPFSASDLYNWKLNPPFSQDPVA
LTNLI ESILVTHQPTWDDCQQLLQALLTAEERQRVLL EARKQVPGEDGRPTQLPNVVDEA
FPLTRPNWDFCTPAGREHLRLYRQLLLAGLRGAARRPTNLAQVKQVVQGKEETPASFLER
LKEAYRMYTPYDPEDPGQATSVILSFIYQSSPDIRNKLQRLEGLQGFTLSDLLKEAEKIY
NKRETPEEREERLWQRQEERDKKRHKEMTKVLATVVAQNRDKDRGESKLG DQRKIPLGKD
QCAYCKEKGHWVRDCPKRPRKKPANSTLL

Seq.ID: 7

DNA-Sequenz des FeLVenvgp85(-spleiß)

ATGGAGTCCCCACCCACCCCAAGCCCTCCAAGGACAAGACCCTGTCCTGGAACATGGTG
TTCCTGGTGGGCATCCTGTTCAACATTGACATTGGCATGGCCAACCCCTCGCCCCCGG
ATCTACAATGTGACCTGGGTGATCACCAATGTGCAGACCAACACCCAGGCCAATGCCACC
TCTATGCTGGGCACCCTGACAGATGCATACCCACCCCTGCATGTGGACCTGTGTGACCTG
GTGGGGGACACCTGGGAGCCCATTCGCTGAACCCACCAATGTGAAGCATGGGGCCAGG
TAÇTCCTCCTCCAAGTATGGCTGCAAGACCACAGACAGGAAGAAGCAGCAGCAGACCTAC
CCCTTCTATGTGTGCCCTGGCCATGCCCCCTCCCTGGGCCCCAAGGGGCACCCACTGTGGG
GGGGCCCAGGATGGCTTCTGTGCTGCCTGGGGCTGTGAAACCACAGGGGAGGCCTGGTGG
AAGCCACCTCCTCCTGGGACTACATCAGTGAAGAGGGGCTCCTCCCAGGACAACCTCC
TGTGAGGGCAAGTGCAACCCCTGGTGTGCTGCAGTTCACCCAGAAGGGCAGGCAGGCCTCC
TGGGATGGCCCCAAGATGTGGGGCCTGAGGCTGTACAGGACAGGCTATGACCCCATTTGCC
CTGTTTACAGTGTCCAGGCAGGTGTCCACCATCACCCCCCCCCAGGCCATGGGCCCCAAC
CTGGTGTGCTGCCTGACCAGAAGCCCCCTCCAGGCAGTCCCAGACAGGCTCCAAGGTGGCC
ACCCAGAGGCCCCAGACCAATGAGTCTGCCCCAGGTCTGTGGCCCCACCACCATGGGC
CCCAAGAGGATTGGCACAGGGGACAGGCTGATCAACCTGGTGCAGGGCACCTACCTGGCC
CTGAATGCCACAGACCCCAACAAGACCAAGGACTGCTGGCTGTGCCTGGTGTCCAGGCC
CCCTACTATGAGGGCATTGCCATCCTGGGCAACTACTCCAACCAGACCAACCCCCCCCCC
TCCTGCCTGTCCACCCCCCAGCACAAAGCTGACCATCTCTGAGGTGTCTGGCCAGGGCATG
TGCATTGGCACAGTGCCCAAGACCCACCAGGCCCTGTGCAACAAGACCCAGCAGGGCCAC
ACAGGGGCCCACTACCTGGCTGTCCCAATGGCACCTACTGGGCCTGCAACACAGGCCTG
ACCCCTGCATCTCCATGGCTGTGCTGAACTGGACCTCTGACTTCTGTGTGCTGATTGAG
CTGTGGCCCAGGGTGACCTACCACCAGCCTGAGTATGTGTACACCCACTTTGCCAAGGCT
GTGAGGTTTCAAGAGGGGAGCCCATCTCCCTGACAGTGGCCCTGATGCTGGGGGGCCTGACA
GTGGGGGGCATTGCTGCTGGGGTGGGCACAGGCACCAAGGCCCTGCTGGAAACAGCCCAG
TTCAGACAACTACAAATGGCCATGCACACAGACATCCAGGCCCTAGAAGAGTCAGTTAGC
GCTTTAGAAAAATCCCTGACCTCCCTCTCTGAAGTAGTCCTACAAAACAGACGAGGCCTA
GATATTCTATTCCTACAAGAGGGAGGACTCTGTGCCGCATTAAAAGAAGAATGTTGTTTT
TATGCAGATCACACCGGATTAGTCCGAGATAATATGGCTAAATTAAGAGAAAGATTAAAA
CAGCGGCAACAACCTGTTTGACTCCCAACAGGGATGGTTTGAAGGATGGTTCAACAAGTCC
CCCTGGCTTACAACCCTAATTTCTCTATTATGGGCCCTTGCTTATCCTGCTCCTAATT
CTCCTCTTCGGCCCATGCATCCTTAACCGATTGGTGCATTCGTAAAAGACAGAATATCG
GTGGTACAAGCCTTAGTTTTTAACCCAACAGTACCAACAGATAAAGCAATACGATCCGGAC
CGACCATGA

Seq.ID: 8 DNA-Sequenz des FeLVenvgp70(-spleiß)

ATGGAGTCCCCACCCACCCCAAGCCCTCCAAGGACAAGACCCTGTCCTGGAACATGGTG
TTCCTGGTGGGCATCCTGTTCAACATTGACATTGGCATGGCCAAACCCCTCCCCCCCCCGG
ATCTACAATGTGACCTGGGTGATCACCAATGTGCAGACCAACACCCAGGCCAATGCCACC
TCTATGCTGGGCACCCTGACAGATGCATACCCACCCTGCATGTGGACCTGTGTGACCTG
GTGGGGGACACCTGGGAGCCCATTCGCTGAACCCACCAATGTGAAGCATGGGGCCAGG
TACTCCTCCTCCAAGTATGGCTGCAAGACCACAGACAGGAAGAAGCAGCAGCAGACCTAC
CCCTTCTATGTGTGCCCTGGCCATGCCCCCTCCCTGGGGCCCAAGGGCACCCTGTGGG
GGGGCCCAGGATGGCTTCTGTGCTGCCTGGGGCTGTGAAACCACAGGGGAGGCCTGGTGG
AAGCCCACCTCCTCCTGGGACTACATCACAGTGAAGAGGGGCTCCTCCCAGGACAACCTCC
TGTGAGGGCAAGTGCAACCCCTGGTGCTGCAGTTCACCCAGAAGGGCAGGCAGGCCTCC
TGGGATGGCCCCAAGATGTGGGGCCTGAGGCTGTACAGGACAGGCTATGACCCATTGCC
CTGTTACAGTGTCCAGGCAGGTGTCCACCATCACCCCCCCCCCAGGCCATGGGCCCCAAC
CTGGTGCTGCCTGACCAGAAGCCCCCTCCAGGCAGTCCCAGACAGGCTCCAAGGTGGCC
ACCCAGAGGCCCCAGACCAATGAGTCTGCCCCAGGTCTGTGGCCCCCACCACCATGGGC
CCCAAGAGGATTGGCACAGGGGACAGGCTGATCAACCTGGTGCAGGGCACCTACCTGGCC
CTGAATGCCACAGACCCCAACAAGACCAAGGACTGCTGGCTGTGCCTGGTGTCCAGGCC
CCCTACTATGAGGGCATTGCCATCCTGGGCAACTACTCCAACCAGACCAACCCCCCCCCC
TCCTGCCTGTCCACCCCCCAGCACAAGCTGACCATCTCTGAGGTGTCTGGCCAGGGCATG
TGCAATTGGCACAGTGCCCCAAGACCCACAGGCCCTGTGCAACAAGACCCAGCAGGGCCAC
ACAGGGGCCCACTACCTGGCTGTCCCCAATGGCACCTACTGGGCCTGCAACACAGGCCTG
ACCCCTGCATCTCCATGGCTGTGCTGAACTGGACCTCTGACTTCTGTGTGCTGATTGAG
CTGTGGCCCAGGGTGACCTACCACCAGCCTGAGTATGTGTACACCCACTTTGCCAAGGCT
GTGAGGTTTCAAGAGGGAGCCCATCTCCCTGACAGTGGCCCTGATGCTGGGGGGCCTGACA
GTGGGGGGCATTGCTGCTGGGGTGGGCACAGGCACCAAGGCCCTGCTGGAAACAGCCTGA

Seq. ID: 9

Proteinsequenz des FeLVenvgp85 (-spleiß)

MESPTHPKPSKDKTLSWNMVFLVGILFTIDIGMANPSPPRIYNVTWVITNVQTNTQANAT
 SMLGTLTDAYPTLHVDLCDLVGDTWEPIPLNPTNVKHGARYSSSKYGCKTTDRKKQQQTY
 PFYVCPGHAPSLGPKGTHCGGAQDGFCAAWGCETTGEAWWKPTSSWDYITVCRGSSQDNS
 CEGKCNPLVLQFTQKGRQASWDGPKMWGLRLYRTGYDPALFTVSRQVSTITPPQAMGPN
 LVLDPQKPPSRQSQTGSKVATQRPQTNESAPRSVAPTTMGPKRIGTGDRLINLVQGTyla
 LNATDPNKTkDCWLCLVSRPPYYEGAILGNYSNQTNPPPSCLSTPQHKLTISeVSGQGM
 CIGTVPKTHQALCNKTQQGHTGAHYLAVPNGTYWACNTGLTPCISMAVLNWTSDFCVlie
 LWPRVTYHQPEYVYTHFAKAVRFRREPISLTVALMLGGTLVGGIAAGVGTGtKALLETaq
 FRQLQMAMHTDIQALEESVSALEKSLTSLSEVVLQNRRLDILFLQEGGLCAALKEECCF
 YADHTGLVRDNMAKLRLRERLKQRQQLFDSQQGWFEgWfNKSPWLTTLISSIMGPLLILLI
 LLFGPCILNRLVQFVKDRISVVQALVLTQQYQQIKQYDPDRP

Seq. ID: 10 Proteinsequenz des FeLVenvgp70 (-spleiß)

MESPTHPKPSKDKTLSWNMVFLVGILFTIDIGMANPSPPRIYNVTWVITNVQTNTQANAT
SMLGTLTDAYPTLHVDLCDLVGDTWEPIPLNPTNVKHGARYSSSKYGCKTTDRKKQQQTY
PFYVCPGHAPSLGPKGTHCGGAQDGFCAAWGCETTGEAWWKPTSSWDYITVKRGSSQDNS
CEGKCNPLVLQFTQKGRQASWDGPKMWGLRLYRTGYDPIALFTVSRQVSTITPPQAMGPN
LVLDPQKPPSRQSQTGSKVATQRPQTNESAPRSVAPTTMGPKRIGTGDRLINLVQGTyla
LNATDPNKTKDCWLCLVSRPPYYEGAILGNYSNQTNPPPSCLSTPQHKLTISEVSGQGM
CIGTVPKTHQALCNKTQQGHTGAHYLAVPNGTYWACNTGLTPCISMAVLNWTSDFCVLIE
LWPRVTYHQPEYVYTHFAKAVRFRREPISLTVALMLGGLTVGGIAAGVGTGTKALLETa

Zusammenfassung

Die Erfindung betrifft einen Impfstoff, welcher einen Schutz gegen Erkrankung infolge einer Lentivirusinfektion, insbesondere eine Infektion mit dem feline Leukosevirus (FeLV) induzieren vermag. Ein solcher Impfstoff enthält kodon-
5 optimierte DNA-Sequenzen, die für Strukturproteine und daß wichtigste Membranprotein des FeLV kodieren.

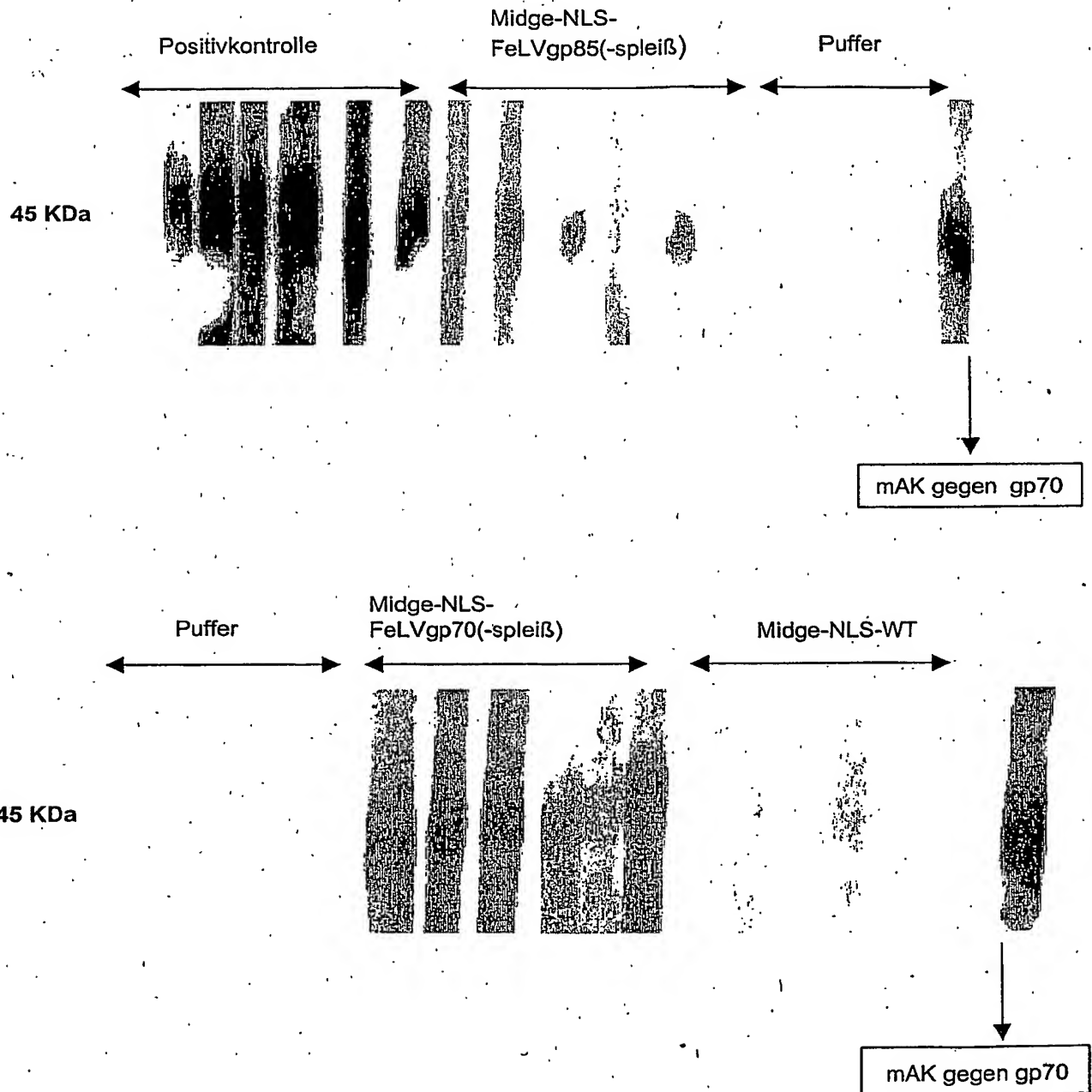
Fig.: 1 in-vitro Expressionsvergleich der WT und der synFeLVgag-Sequenz des FeL-Virus



Fig.: 2 in-vitro Expressionsvergleich der WT und der FeLVenvp85-Sequenz des FeL-Virus



Fig.: 3 in-vivo Expression des „env“-Proteins



**This Page is Inserted by IFW Indexing and Scanning
Operations and is not part of the Official Record**

BEST AVAILABLE IMAGES

Defective images within this document are accurate representations of the original documents submitted by the applicant.

Defects in the images include but are not limited to the items checked:

- ☐ **BLACK BORDERS**
- ☐ **IMAGE CUT OFF AT TOP, BOTTOM OR SIDES**
- ☐ **FADED TEXT OR DRAWING**
- ☐ **BLURRED OR ILLEGIBLE TEXT OR DRAWING**
- ☐ **SKEWED/SLANTED IMAGES**
- ☐ **COLOR OR BLACK AND WHITE PHOTOGRAPHS**
- ☐ **GRAY SCALE DOCUMENTS**
- ☒ **LINES OR MARKS ON ORIGINAL DOCUMENT**
- ☐ **REFERENCE(S) OR EXHIBIT(S) SUBMITTED ARE POOR QUALITY**
- ☐ **OTHER:** _____

IMAGES ARE BEST AVAILABLE COPY.

As rescanning these documents will not correct the image problems checked, please do not report these problems to the IFW Image Problem Mailbox.